

" Laure-Agnès a travaillé deux années de suite au sein de la Plateforme de cytométrie Cytocell, dans le cadre de ses stages de M1 et M2 Bioinformatiques. Elle a mis en place un pipeline d'analyses non supervisées et semi-automatisées de données de cytométrie en flux, en bioinformatique, sous R à l'aide de packages déjà existants. Pour ce faire, elle a été formée au CIPHE au sein de l'équipe d'Hervé Luche et auprès de Quentin Barbier. Ce pipeline a pour but de prendre en charge l'intégralité des fichiers FCS bruts, de les "pre-processor" (nettoyage des évènements saturants, compensation, transformation en logicle ou biexponentiel, élimination des doublets, débris, cellules mortes, cellules vivantes de taille/granulosité non appropriées etc), pour aboutir à une concaténation des données épurées en un seul et unique méga fichier FCS. Ce fichier concaténé est ensuite pris en charge soit dans flowsom, soit dans scaffold, deux packages dédiés à la cytométrie en flux sous R. Scaffold est également une approche possible. Ensuite, les données sont clustérisées, puis mega clusterisées, et enfin représentées sous forme de grille ou arbre Flow Som, ou t-SNE. Une représentation des intensités d'expression de chaque marqueur est possible sous la forme d'une heatmap ou d'un ensemble d'histogramme, par cluster et megacluster. A la sortie de l'analyse, le pipeline permet de télécharger l'ensemble des figures des étapes de pré-processing et d'analyses. De plus, il est possible de récupérer l'ensemble des fichiers FCS dé-concaténés, mais agrémentés de 4 paramètres supplémentaires: deux coordonnées de clustering, et deux coordonnées d'arbres t-SNE. Ceci permet au final de visualiser les clusters et la représentation t-SNE en dot plot directement sous DiVA ou FlowJo, afin d'analyser les clusters manuellement. Ce pipeline a été mis en forme sous une interface graphique R Shiny, et sera prochainement mis en ligne sur un serveur de l'Université de Nantes.

Je soutiens sans hésitation toute candidature que Laure-Agnès posera. En effet, elle a été ces deux dernières années un atout indéniable sur la Plate-forme. Elle a su prendre à bras le corps ses missions, appréhender et comprendre la cytométrie en flux et les questions biologiques derrière les jeux de données, et ce, avec efficacité, une très grande autonomie et une force de proposition pertinente et éclairée. Je tiens à souligner qu'elle a accompli un travail remarquable en bioinformatique, alors même que les savoirs-faire liés à ce domaine étaient inexistant sur la Plate-forme. Laure-Agnès terminera son stage fin août et sera disponible à partir de mi-septembre 2019. "